



TITLE:

腸内微生物群集が炎症性腸疾患に及ぼす影響の解明

AUTHOR(S):

西山, 拓輝

CITATION:

西山, 拓輝. 腸内微生物群集が炎症性腸疾患に及ぼす影響の解明. 京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 2020, 2019: 21-21

ISSUE DATE:

2020-03

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/251101>

RIGHT:

腸内微生物群集が炎症性腸疾患に及ぼす影響の解明
Analysis on the role of intestinal microbiota in inflammatory bowel disease

京都大学 化学研究所 化学生命科学研究領域 西山拓輝

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、バイオインフォマティクス技術により、炎症性腸疾患と腸内微生物群集との関係性について調査した。

炎症性腸疾患とは、腸内にて慢性的に炎症が持続する疾患であり、潰瘍性大腸炎及びクローン病などが含まれる。いずれも原因は不明だが、炎症性腸疾患患者やモデルマウスなどの腸内細菌群集を対象とした近年のメタゲノム研究により、これらの疾患の病態に腸内微生物の群集構造の変化が深く関与していることが示唆されている。報告者は腸内微生物の内、細菌と溶原性ファージの相互関係に着目し、これらの炎症性腸疾患との関連性について研究を実施した。

具体的には、IBDMDB と呼ばれる公開データベースから入手した炎症性腸疾患患者の腸内メタゲノムやメタトランスクリプトームなどのデータセットを対象にスーパーコンピュータを用いてバイオインフォマティクス解析を実施した。その結果、腸内メタゲノムの DNA 断片から 3,133 の細菌ドラフトゲノムを構築することに成功した。さらに、DNA 断片の塩基配列を重ね合わせたコンティグ中のプロファージ領域を VirSorter により推定し、それらを CD-HIT を用いてクラスタリングすることで、5,703 の溶原性ファージ操作的分類群が得られた。これらのゲノム情報を基に群集構造の類似度を評価した結果、炎症性腸疾患患者とその他の患者群の間で腸内細菌と腸内溶原性ファージの各々の群集構造が異なることが分かった。今後、これらの群集構造の違いが、どのような機序で病態に寄与するかについて、より詳細な解析を実施していく。

発表論文(謝辞あり)

[1] Sakurai T, Nishiyama H, Nagai T, Goto S, Ogata H, Kudo M. Deficiency of Gankyrin in the small intestine is associated with augmented colitis accompanied by altered bacterial composition of intestinal microbiota. BMC Gastroenterol. 2020;20(1):12. Published 2020 Jan 15. doi:10.1186/s12876-019-1156-0

発表論文(謝辞なし)